

### STATA und R: eine Gegenüberstellung

Mumdzhiev, Milko

Preprint / Preprint

Arbeitspapier / working paper

#### Empfohlene Zitierung / Suggested Citation:

Mumdzhiev, M. (2010). *STATA und R: eine Gegenüberstellung*. (Nürnberger Beiträge zur Sozial- und Wirtschaftsforschung, 01/10). Nürnberg. <https://nbn-resolving.org/urn:nbn:de:0168-ssoar-256381>

#### Nutzungsbedingungen:

Dieser Text wird unter einer CC BY-NC-ND Lizenz (Namensnennung-Nicht-kommerziell-Keine Bearbeitung) zur Verfügung gestellt. Nähere Auskünfte zu den CC-Lizenzen finden Sie hier:

<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/deed.de>

#### Terms of use:

This document is made available under a CC BY-NC-ND Licence (Attribution-Non Commercial-NoDerivatives). For more information see:

<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0>

# **STATA und R**

## **Eine Gegenüberstellung**

**von Milko Mumdzhev**

### *Zusammenfassung:*

Die Kapitel der Regressionsschätzung, Paneldatenanalyse, der multivariaten Datenanalyse, Survey- und Survivalanalyse, so wie Zeitreihenanalyse werden anhand einer tabellarischen Auflistung von entsprechenden STATA und R-Befehlen vorgestellt. Dabei kann die gewählte Vorgehensweise in STATA zu einem Großteil in R übersetzt und nachvollzogen werden.

## Einleitung

Ziel dieser Arbeit war es, STATA 11 Befehlen Entsprechungen aus dem R-Softwarepaket (Version 2.10.1) gegenüberzustellen, und fortgeschrittenen Anfängern in einem dieser Programme eine kleine Übersetzungshilfe in das jeweils andere zu geben. Als Orientierung und Grundlage dienten die offiziellen on- und offline Dokumentationen zu beiden Softwarepaketen, hauptsächlich die STATA Reference Manuals und die R-Packagedokumentationen.

Für die Auswahl der Funktionen war es entscheidend, grob die Lerneinheiten eines ökonometrischen Hauptstudiums beschreiben zu können, somit die Gebiete der Regressionsschätzung, Zeitreihenanalyse, Survivalmodellierung, Panelanalyse, Surveyanalyse und der klassischen multivariaten Datenanalyse nacheinander mehr oder weniger genau abzugehen. Gleichzeitig sollte es möglich sein, die jeweiligen Operationen durch wenige Schritte in beiden Softwareumgebungen nachzuvollziehen; im besten Fall entspricht eine Befehlszeile in STATA einer solchen in R, wobei der Name des Befehls dessen Funktion andeutet. Die Entsprechungen selbst sind oft mit unterschiedlichen Defaultsetzungen implementiert (für R-Befehle wiedergegeben), oder funktionieren in bestimmter Weise nur in der eigenen Softwareumgebung, indem sie einschlägige Operatoren freigeben, lokale Hilfsfunktionen laden usw. Wenige Befehle konnten hinsichtlich aller ihrer Optionen und Spezifikationen gematcht werden.

Die Betrachtung der einzelnen (Sub-)Kommandos bzw. deren Syntax über Hilfedateien und Handbüchern zwecks genauer Optionensetzung, Methodenauswahl, oder zwecks Änderung des Schätzers, der gewünschten Ausgaben etc., sollte hier nicht Platz füllen, wird aber durch eine Verlinkung auf die STATA Web- und Hilfeseiten erleichtert.

In der linken Spalte der Auflistungen wurden die ausgewählten STATA Befehle in alphabetischer Reihenfolge notiert. Die Syntax und ein Beispiel zu einem (zum Teil aus dem Web) noch zu ladenden Datensatz wurden nach STATA Handbuchmuster angefügt. Eine entsprechende R-Spalte enthält die Funktionenbeschreibung, den kompletten (Standard-)Eingabemodus, und ein Beispiel, vom Anschluss der Bibliothek bis zur Schätzung. Oftmals wurden hier weitere Pakete (aus dem Netz) geladen, auf die in der aktuellen Funktion zugegriffen wird. Die Ausgaben in beiden Fällen wurden nicht mit abgebildet, außerdem wurde aus den entsprechenden Prüfgrößen oder Ergebnissen keine Modellgütestestung etc. geliefert.

Ausgelassen wurden Bereiche der klassischen Datenmanipulation, die Speicherung, Einlesen, Variablenberechnung, Fälleaddieren, Rekodieren, Sortieren, Behandlung von missing values, Ausgabenextraktion (in STATA recode, infile, file, generate etc.) abhandeln. Ebenso wurde keine Rücksicht genommen auf Grafikoptionen in Plots, Charts usw.

Informationen über solche Befehle kann man aus den entsprechenden Hilfedateien gewinnen, oder sie in Einführungen zur Software nachlesen. Daneben wurde Matrizenrechnung nicht referiert, sowie Programmervokabeln und Praktiken, wie if-else, break oder class-Strukturen usw.; alles in allem das, was für Darstellungsweise und Zweck der Arbeit nicht sinnvoll erschien, oder nicht knapp zu benennen war.

Die thematischen Abschnitte, welchen stets ein eigenes Vorwort gewidmet ist, sind im einzelnen:

- Regressionsschätzung, wie sie im STATA Base Reference Manual katalogisiert ist
- Longitudinal / Panel Data Analysis
- Multivariate Datenanalyse
- Befehle aus dem Bereich der Survey / Survival Data Analysis
- Zeitreihenanalyse.

Die Blöcke gehen über einige wenige Seiten, ca. 60 Befehle werden wiedergegeben.

Die einzelnen Einführungen gehen sowohl auf genannte als auch auf nicht genannte Befehle ein, erläutern kurz Optionen zur Schätzung, mögliche *postestimation Schritte* nach dem Befehl, z.B. Modelldiagnosen, und andere Details.

Ein Beispiel soll einführend sein für alle. **Cloglog**-Modelle werden geschätzt. Eckige Klammern in der STATA Syntax werden nicht ausgeschrieben, runde Klammern sehr wohl. **Depvar** steht für die (eine) abhängige Variable, **indepvars** steht für eine oder mehrere unabhängige Variablen. Restriktionensetzung ist möglich, Bestimmung von Gewichten, und andere Spezifikationen (,options) zur Schätzung, zur Ausgabe etc.

|  |  |
|--|--|
| <b>cloglog</b> Complementary log-log regression<br>Syntax<br><b>cloglog</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight]<br>[, options]<br><i>Fit complementary log-log model<br/> with robust variance estimates</i><br><b>sysuse</b> auto<br><b>cloglog</b> foreign weight mpg, vce(robust) | <b>cloglog</b> Complementary log-log regression with<br>glm<br>Syntax<br><b>glm(formula, family = binomial, data, weights,<br/> subset, na.action, start = NULL, etastart,<br/> mustart, offset, control = glm.control(...),<br/> model = TRUE, method = "glm.fit",<br/> x = FALSE, y = TRUE, contrasts = NULL, ...)</b><br>library(HSAUR)<br>glm_1 = glm(ESR ~ fibrinogen, data = plasma,<br>family = binomial(link = "cloglog"))<br>summary(glm_1) |
|--|--|

## 1. Regressionsschätzung

Die STATA Befehle `alpha`, `ameans`, `anova`, `binreg`, `bibprobit`, `bootstrap`, `clogit`, `cloglog`, `doedit`, `dydx`, `frontier`, `glm`, `ivregress`, `kdenstiy`, `ksmirnov`, `logit`, `mlogit`, `mprobit`, `ologit`, `oprobit`, `poisson`, `probit`, `qreg`, `reg3`, `regress`, `stem`, `swilk`, `summarize`, `zinb` und `zip` wurden aufgenommen und entsprechenden Befehlen in R gegenübergestellt. Dabei boten sich in STATA und R oft mehrere Alternativen an, eine ganz bestimmte Schätzung durchzuführen, welche dann mehr oder weniger beliebig zitiert wurden (Beispiel: für multinomiale Logitmodelle das R-Package **mlogit** oder das Package **Zelig**). Varianten der Optionensetzung z.B. im **glm**-Befehl (zum Logit-, Poissonmodell etc.) oder *postestimation commands* wurden knappst gehalten, häufig gänzlich unterdrückt; die vorrangige Nutzung einer R-Bibliothek gegenüber einer anderen hatte keine besondere Bedeutung. Die R-Packages `car`, `GMM`, `sampleSeleciton`, `sandwich`, `Design`, `MASS` usw. liefern alternative Anwendungen und Optionen zur Regressionsschätzung, sind aber dennoch unterrepräsentiert, während z.B. das Package `Zelig` mehrmals angeschlossen wurde.

Explizit nicht aufgenommen und ausgeführt wurden mehrere spezielle Regressionsmodelle oder nicht näher benannte STATA Routinen wie `areg`, `asclogit`, `asmprobit`, `eivreg`, `fracpoly`, `gmm`, `heckprob`, `ivprobit`, `ivtobit`, `kwallis`, `lincom`, `logistic`, `mfp`, `nbreg`, `nl`, `nlogit`, `rocfits`, `scobit`, `suest`, `truncreg`, daneben bestimmte Tests oder Graphikbefehle (`bitest`, `diagnostic plots`, `hausman`, `heckman`, `histogramm`, `lrtest`, `ttest`), *postestimation commands* und andere Schätzer oder Befehle zur Datenhandhabung (z.B. `view`, `ratio`, `search`, `ssc`, `update`). *Postestimation commands* zwecks Modelldiagnostik wurden z.T. in der Einleitung exemplarisch gelistet.

Manche Regressionen, z.B. mit Instrumentenvariablen (`ivregress` in STATA) verwenden 2SLS oder GMM für die Parameterschätzung (wie `ivreg` im AER-Package in R), bei anderen, z.B. `ivprobit` stehen die (bedingte) ML-Schätzung oder (Neweys  $\chi^2$ -)Two-Step-Estimator zur Auswahl. Weitere implementierte Modelle stellen Verallgemeinerungen anderer dar; bei zu speziellen Ansätzen schien wiederum der Kontext zur Statistiklehre nicht mehr gegeben zu sein. Wenn die Variableneingabe in fertige STATA Routinen sich einfach machte, aber in R dazu einige Rechenschritte mehr erforderlich waren (z.B. das Aufstellen und Optimieren von 2 Gleichungen), dann hat man sich diese der übersichtlichen Kürze und Einfachheit halber gespart, so wie die Nachlieferung bestimmten methodischen Hintergrundes (z.B. zu GMM, Testungen, Tobits, Negbin-Modellen).

Einige Punkte sollen an dieser Stelle ausführlicher referiert werden.

### **anova**

Nach Ausführen von **anova** als der Varianzanalyse (ohne weitere Optionensetzung), mit der Syntax:

**anova** varname [termlist] [if] [in] [weight] [, options]

*One-Way-Anova*

**webuse** systolic

**anova** systolic drug

aber auch nach anderen vergleichbaren Regressionsschätzungen, kämen modelldiagnostisch folgende *postestimation commands* in Betracht (nur Nennungen):

|                |  |
|----------------|--|
| dfbeta         | DFBETA influence statistics                                      |
| estat hettest  | tests for heteroskedasticity                                     |
| estat imtest   | information matrix test  |
| estat ovtest   | Ramsey regression specification-error test for omitted variables |
| estat szroeter | Szroeter's rank test for heteroskedasticity                      |
| estat vif      | variance inflation factors for the independent variables         |
| acprplot       | augmented component-plus-residual plot                           |
| avplot         | added-variable plot  |
| avplots        | all added-variable plots in one image                            |
| cprplot        | component-plus-residual plot                                     |
| lvr2plot       | leverage-versus-squared-residual plot                            |
| rvfplot        | residual-versus-fitted plot                                      |
| rvpplot        | residual-versus-predictor plot                                   |

Auf Begriff, Syntax und Optionen der *postestimation commands* wird nicht näher eingegangen. Manchmal können diese nicht nach jeder Befehlsoption / Modellspezifikation ausgeführt werden, sei es, weil sie im Spezialfall keinen Sinn machen, oder dass sie so nicht implementiert sind.

Nach einer Schätzung nahezu immer abrufbar sind Informationskriterien wie AIC oder BIC, Wald-Tests, LR-Tests und weitere Modelldiagnosestatistiken.

Typische *postestimation commands* sind (nur Nennungen, ohne Syntax):

|           |  |
|-----------|--|
| estat     | AIC, BIC, VCE, and estimation sample summary   |
| hausman   | Hausman's specification test   |
| lincom    | point estimates, standard errors, testing, inference for linear combinations of coefficients |
| linktest  | link test for model specification  |
| lrtest    | likelihood-ratio test  |
| nlcom     | point estimates, SE, testing, inference for nonlinear combinations of coefficients           |
| predict   | predictions, residuals, influence statistics, and other diagnostic measures                  |
| predictnl | point estimates, standard errors, testing, and inference for generalized predictions         |
| suest     | seemingly unrelated estimation   |
| test      | Wald tests of simple and composite linear hypotheses   |
| testnl    | Wald tests of nonlinear hypotheses   |

R bietet vergleichbare Diagnostikbatterien (im Package **lmtest** z.B. LR-Test, Wald-Test, Heteroskedastie-, Linearitätstests etc.), die Hinweise auf die Güte der Modellschätzung liefern können. Ein Paar davon sind tabelliert, wobei in Klammern das jeweilige R-Package genannt ist:

|              |   |
|--------------|---|
| bgtest       | Breusch-Godfrey Test (lmtest)   |
| bptest       | Breusch-Pagan Test (lmtest)   |
| dfbeta       | DBETA (stats)   |
| dwtest       | Durbin-Watson Test (lmtest)   |
| plot.lm      | a plot of residuals against fitted values, a Normal Q-Q plot and other (stats)  |
| prplot       | Partial Residual Plot (faraway)   |
| qq.plot      | Quantile-Comparison Plots (car)   |
| lm.influence | This function provides the basic quantities which are used in forming a wide variety of diagnostics for checking the quality of regression fits (stats) |
| ls.diag      | Computes basic statistics, including standard errors, t- and p-values for the regression coefficients (stats)   |

**logit**

Nun wird ein Logitmodell (in STATA mit dem Befehl **logit**) geschätzt, die entsprechende Syntax lautet:

**logit** depvar [indepvars] [if] [in] [weight] [, options]

**webuse** lbw

**logit** low age lwt i.race smoke ptl ht ui

Als Optionen (, options) für die Modellschätzung bieten sich an :

|                          |  |
|--------------------------|--|
| noconstant               | suppress constant term                                     |
| offset(varname)          | include varname in model with coefficient constrained to 1 |
| asis                     | retain perfect predictor variables                         |
| constraints(constraints) | apply specified linear constraints                         |
| collinear                | keep collinear variables                                   |
| vce                      | vcetype may be robust, bootstrap, jackknife...             |
| level(#)                 | set confidence level; default is level(95)                 |
| or                       | report odds ratios   |
| nocnsreport              | do not display constraints                                 |

Logitmodelle könnte man in R beispielsweise über den **zelig**-Befehl (Package Zelig) schätzen.

Die Standardsyntax sieht wie folgt aus:

z.out = **zelig**(Y ~ X1 + X2, model = "**logit**", data = mydata)

Das Setzen von **robust=TRUE** lässt robuste Standardfehler (aus dem Package sandwich) berechnen. Hier stünden mehrere Möglichkeiten zur Auswahl (ohne weitere Erläuterung):

- "vcovHAC"
- "kernHAC"
- "weave"

Konfidenzintervalle würde man grafisch darstellen (verkürzt wiedergegeben) mit:

**plot.ci**(x, CI = 95, qi = "ev", main = "", ylab = NULL, xlab = NULL, xlim = NULL, ylim = NULL, col = c("red", "blue"), ...)



**reg3**

Ein letztes Beispiel ist der Befehl **reg3** in STATA, der u.a. über 3SLS ein Gleichungssystem schätzt.

Die Syntax lautet:

**reg3** (depvar1 varlist1) (depvar2 varlist2) ...(depvarN varlistN) [if] [in] [weight]

Was den Schätzer angeht, kann man auf mehrere Varianten zugreifen:

|                   |   |
|-------------------|---|
| 3sls              | three-stage least squares; the default            |
| 2sls              | two-stage least squares                           |
| ols               | ordinary least squares (OLS)                      |
| sure              | seemingly unrelated regression estimation (SURE)  |
| mvreg             | sure with OLS degrees-of-freedom adjustment       |
| corr(correlation) | unstructured or independent correlation structure |

Mit dem Befehl **zelig** (im R-Package Zelig) kann man über die **threesls**-Option (Kombination aus 2SLS und SUR) gehen, oder für die *seemingly unrelated regression* die **sur**-Option setzen.

z.out = **zelig**(formula = formula, **model** = "**threesls**", data = kmenta)

z.out = **zelig**(formula = formula, **model** = "**sur**", data = grunfeld)

Allgemein könnte man in R auch mit dem Package **sem** Strukturgleichungsmodelle handhaben.

Nachfolgend setzt der lexikalische Teil dieses Themenbereichs ein. In der linken Spalte stehen die STATA Befehle (welche zur jeweiligen STATA Webseite verlinkt sind), rechts sind die entsprechenden Befehle in R genannt.

|   |  |
|---|--|
| <p><a href="#">alpha</a> Compute inter-item correlations (covariances) and Cronbach's alpha<br/>Syntax<br/><b>alpha</b> varlist [if] [in] [, options]<br/><i>Obtain average inter-item covariance and Cronbach's alpha</i><br/><b>webuse</b> automiss<br/><b>alpha</b> price headroom rep78 trunk weight length turn displ</p>  | <p><b>cronbach</b> Compute Cronbach's reliability coefficient alpha<br/><b>Syntax</b><br/><b>cronbach(v1)</b><br/>library(psy)<br/>data(expsy)<br/>cronbach(cbind(expsy[,c(1,3:10)],-1*expsy[,2]))</p>   |
| <p><a href="#">ameans</a> Arithmetic, geometric, and harmonic means<br/>Syntax<br/><b>ameans</b> [varlist] [if] [in] [weight] [, options]<br/><i>Compute arithmetic, geometric, and harmonic means</i><br/><b>webuse</b> systolic<br/><b>ameans</b> systolic</p>  | <p><b>mean</b> (trimmed) Arithmetic mean<br/><b>Syntax</b><br/><b>mean(x, ...)</b><br/>mean(USArrests, trim = 0.2)</p>   |
| <p><a href="#">anova</a> Analysis of variance and covariance<br/>Syntax<br/><b>anova</b> varname [termlist] [if] [in] [weight] [, options]<br/><i>One-Way-Anova</i><br/><b>webuse</b> systolic<br/><b>anova</b> systolic drug<br/><i>Some postestimation commands</i><br/><b>estat ic</b> AIC, BIC<br/><b>lvr2plot</b> leverage-versus-squared-residual plot<br/><b>rvfplot, yline(10)</b> residual-versus-fitted plot<br/><b>rvpplot drug</b> residual-versus-predictor plot</p> | <p><b>anova</b> Compute an ANOVA-table for linear models<br/><b>Syntax</b><br/><b>anova(object, ...)</b><br/><i>where the object contains results returned by a model fitting function (e.g., lm or glm).</i><br/>lm1 = lm(Fertility ~ . , data = swiss)<br/>summary(lm1)<br/>anova(lm1)<br/>AIC(lm1)<br/>plot.lm(lm1)</p> |

|  |   |
|--|---|
| <p><a href="#">binreg</a> Fit generalized linear models for the binomial family<br/> Syntax<br/> <b>binreg</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight] [, options]<br/> <i>Report odds ratios</i><br/> <b>webuse</b> lbw<br/> <b>binreg</b> low age lwt i.race smoke ptl ht ui, <b>or</b></p>  | <p><b>glm</b> Fit generalized linear models<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>glm</b>(formula, family = gaussian, data, weights, subset, na.action, start = NULL, etastart, mustart, offset, control = glm.control(...), model = TRUE, method = "glm.fit", x = FALSE, y = TRUE, contrasts = NULL, ...) library(HSAUR)<br/> glm_1 = glm(ESR ~ fibrinogen, data = plasma, family = <b>binomial</b>())<br/> summary(glm_1)</p>  |
| <p><a href="#">biprobit</a> Bivariate probit regression<br/> Syntax<br/> <i>Bivariate probit model</i><br/> <b>biprobit</b> depvar1 depvar2 [varlist] [if] [in] [weight] [, options]<br/> <b>webuse</b> school<br/> <b>biprobit</b> private vote logptax loginc years</p>  | <p><b>bprobit</b>-Option (zelig) for bivariate probit regression<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>z.out = zelig</b>(list( mu1 = Y1 ~ X1 + X2, mu2 = Y2 ~ X1 + X3, rho = ~ 1), model = "<b>bprobit</b>", data = mydata)<br/> library(Zelig)<br/> data(sanction)<br/> z.out1 = zelig(cbind(import, export) ~ coop + cost + target, model = "<b>bprobit</b>", data = sanction)</p>   |
| <p><a href="#">bootstrap</a> Bootstrap sampling and estimation<br/> Syntax<br/> <b>bootstrap</b> exp_list [, options eform_option] : <b>command</b><br/> <i>Compute bootstrap estimates</i><br/> <b>sysuse</b> auto<br/> <b>bootstrap</b>: <b>regress</b> mpg weight gear foreign<br/> <i>Bootstrap t statistic using 1000 replications, stratifying on foreign, and saving results in bsauto file</i><br/> <b>bootstrap</b> t=r(t), rep(1000) strata(foreign) saving(bsauto, replace): ttest mpg, by(foreign) unequal</p> | <p><b>boot</b> Generate <b>R</b> bootstrap replicates of a statistic applied to data<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>boot</b>(data, statistic, R, sim="ordinary", stype="i", strata=rep(1,n), L=NULL, m=0, weights=NULL, ran.gen=function(d, p) d, mle=NULL, simple=FALSE, ...) <i>usual bootstrap of the ratio of means using the city data</i><br/> library(boot)<br/> ratio = function(d, w) sum(d\$x * w)/sum(d\$u * w)<br/> boot(city, ratio, R=999, stype="w")</p> |

|  |  |
|--|--|
| <p><a href="#">clogit</a> Conditional (fixed-effects) logistic regression<br/> Syntax<br/> <b>clogit</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight] ,<br/> group( varname) [options]<br/> <i>Fit conditional logistic regression (panel data)</i><br/> <b>webuse</b> union, clear<br/> <b>clogit</b> union age grade not_smsa, group(idcode)</p>                          | <p><b>clogit</b> Estimate a logistic regression model by maximising the conditional likelihood<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>library(survival)</b><br/> <b>clogit(formula, data, method=c("exact", "approximate"),</b><br/> <b>na.action=getOption("na.action"),</b><br/> <b>subset=NULL,control=coxph.control())</b></p>   |
| <p><a href="#">cloglog</a> Complementary log-log regression<br/> Syntax<br/> <b>cloglog</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight]<br/> [, options]<br/> <i>Fit complementary log-log model with robust variance estimates</i><br/> <b>sysuse</b> auto<br/> <b>cloglog</b> foreign weight mpg, vce(robust)</p>  | <p><b>cloglog</b> Complementary log-log regression with glm<br/> Syntax<br/> <b>glm(formula, family = binomial, data, weights, subset, na.action, start = NULL, etastart, mustart, offset, control = glm.control(...), model = TRUE, method = "glm.fit", x = FALSE, y = TRUE, contrasts = NULL, ...)</b><br/> <b>library(HSAUR)</b><br/> <b>glm_1 = glm(ESR ~ fibrinogen, data = plasma, family = binomial(link = "cloglog"))</b><br/> <b>summary(glm_1)</b></p> |
| <p><a href="#">doedit</a> Edit do-files and other text files<br/> Syntax<br/> <b>doedit</b> [filename]</p>   | <p><b>edit</b> Invoke a text editor<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>edit(name = NULL, file = "", title = NULL, editor = getOption("editor"), ...)</b><br/> <b>edit(glm)</b><br/> <b>func=edit(glm)</b></p>  |
| <p><a href="#">dydx</a> Calculate numeric derivatives<br/> Syntax<br/> <b>dydx</b> yvar xvar [if] [in] , generate(newvar)<br/> [dydx_options]<br/> 1. create 100 obs on x, 0 to 4*pi<br/> 2. generate y = f(x)<br/> 3. create derivative of function<br/> <b>range</b> x 0 12.56 100<br/> <b>generate</b> y = exp(-x/6)*sin(x)<br/> <b>dydx</b> y x, gen(yprime)</p> | <p><b>grad</b> Calculate a numerical approximation of the first derivative of func at the point x<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>grad(func, x, method="Richardson", method.args =list(), ...)</b><br/> <b>library(numDeriv)</b><br/> <b>grad(sin, pi)</b></p>  |

|   |  |
|---|--|
| <p><a href="#">frontier</a> Stochastic frontier models<br/> Syntax<br/> <b>frontier</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight] [, options]<br/> <i>Cobb-Douglas production function with exponential distribution for inefficiency term</i><br/> <b>webuse</b> greene9<br/> <b>frontier</b> Inv lnk lnI, dist(exponential)</p>   | <p><b>sfa</b> MLE of stochastic frontier and cost models<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>sfa</b>( formula, data = sys.frame( sys.parent() ), ineffDecrease = TRUE, truncNorm = FALSE, timeEffect = FALSE, startVal = NULL, tol = 0.00001, maxit = 1000, muBound = 2, bignum = 1.0E+16, searchStep = 0.00001, searchTol = 0.001, searchScale = NA, gridSize = 0.1, gridDouble = TRUE, printIter = 0)<br/> <i>Cobb-Douglas production frontier</i><br/> library(frontier)<br/> data( front41Data )<br/> cobbDouglas = sfa( log( output ) ~ log( capital ) + log( labour ), data = front41Data )<br/> summary( cobbDouglas )</p> |
| <p><a href="#">glm</a> Generalized linear models<br/> Syntax<br/> <b>glm</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight] [, options]<br/> <i>Generalized linear model with binomial family and cloglog link</i><br/> <b>webuse</b> ldose<br/> <b>glm</b> r ldose, family(binomial n) link(cloglog)</p>  | <p><b>glm</b> Generalized linear models<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>glm</b>(formula, family = gaussian, data, weights, subset, na.action, start = NULL, etastart, mustart, offset, control = glm.control(...), model = TRUE, method = "glm.fit", x = FALSE, y = TRUE, contrasts = NULL, ...)</p>  |
| <p><a href="#">ivregress</a> Single-equation instrumental variables regression<br/> Syntax<br/> <b>ivregress</b> estimator depvar [varlist1] (varlist2 = varlist_iv) [if] [ in] [weight] [, options]<br/> <i>Fit a regression via 2SLS, requesting small sample statistics</i><br/> <b>webuse</b> hsng2<br/> <b>ivregress</b> 2sls rent pcturban (hsngval = faminc i.region), small</p> | <p><b>twosls</b>-Option (zelig) for consistent estimates for linear regression models with some explanatory variable correlated with the error term using instrumental variables<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>zelig</b>(formula = fml, model = "twosls", data = mydata)<br/> library(Zelig)<br/> data(klein)<br/> formula = list(mu1 = C ~ Wtot + P + P1, mu2 = I ~ P + P1 + K1, mu3 = Wp ~ X + X1 + Tm, inst = ~P1 + K1 + X1 + Tm + Wg + G)<br/> z.out = zelig(formula = formula, model = "twosls", data = klein)<br/> summary(z.out)</p>   |

|  |   |
|--|---|
| <p><a href="#">kdensity</a> Univariate kernel density estimation<br/> Syntax<br/> <b>kdensity</b> varname [if] [in] [weight] [, options]<br/> <b>sysuse</b> auto<br/> <b>kdensity</b> length</p>   | <p><b>kde</b> Perform KDE for 1-6 dimensional data<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>kde</b>(x, H, h, gridsize, gridtype, xmin, xmax, supp=3.7, eval.points, binned=FALSE, bgridsize, positive=FALSE, adj.positive, w)<br/> <i>Univariate example</i><br/> library(ks)<br/> x = rnorm.mixt(n=100, mus=1, sigmas=1, props=1)<br/> fhat = kde(x=x, h=hpi(x))<br/> plot(fhat)</p>   |
| <p><a href="#">ksmirnov</a> Kolmogorov–Smirnov equality of distributions test<br/> Syntax<br/> <i>One-sample Kolmogorov-Smirnov test</i><br/> <b>ksmirnov</b> varname = exp [if] [in]<br/> <i>One-sample KS test</i><br/> <b>webuse</b> ksxmpl<br/> <b>summarize</b> x<br/> <b>ksmirnov</b> x = normal((x-r(mean))/r(sd))<br/> <i>Two-sample KS test</i><br/> <b>ksmirnov</b> x, by(group)</p> | <p><b>ks.test</b> One or two sample KS-tests<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>ks.test</b>(x, y, ..., <b>alternative</b> = c("two.sided", "less", "greater"), <b>exact</b> = NULL)<br/> <i>Do x and y come from the same distribution?</i><br/> ks.test(x, y)</p>  |
| <p><a href="#">logit</a> Logistic regression for binary outcomes, reporting coefficients<br/> Syntax<br/> <b>logit</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight] [, options]<br/> <b>webuse</b> lbw<br/> <b>logit</b> low age lwt i.race smoke ptl ht ui</p>   | <p><b>logit</b>-Option (zelig) for logistic regression<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>z.out = zelig</b>(Y ~ X1 + X2, <b>model</b> = "logit", <b>data</b> = mydata)<br/> library(Zelig)<br/> data(turnout)<br/> z.out1 = zelig(vote ~ age + race, <b>model</b> = "logit", data = turnout)<br/> summary(z.out1)</p>   |
| <p><a href="#">mlogit</a> Multinomial logistic regression (categorical outcomes)<br/> Syntax<br/> <b>mlogit</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight] [, options]<br/> <b>webuse</b> sysdsn1<br/> <b>mlogit</b> insure age male nonwhite i.site</p>  | <p><b>mlogit</b>-Option (zelig) uses the multinomial logit distribution to model unordered categorical variables<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>z.out = zelig</b>(as.factor(Y) ~ X1 + X2, <b>model</b> = "mlogit", <b>data</b> = mydata)<br/> library(Zelig)<br/> data(mexico)<br/> z.out1 = zelig(as.factor(vote88) ~ pristr + othcok + othsocok, <b>model</b> = "mlogit", data = mexico)<br/> summary(z.out1)</p> |

|  |   |
|--|---|
| <p><a href="#">mprobit</a> Multinomial probit regression (categorical outcomes)<br/> Syntax<br/> <b>mprobit</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight] [, options]<br/> <b>webuse</b> sysdsn1<br/> <b>mprobit</b> insure age male nonwhite i.site</p> | <p><b>mnp</b> (Bayesian) Multinomial probit regression<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>mnp</b>(formula, data = parent.frame(), choiceX = NULL, cXnames = NULL, base = NULL, latent = FALSE, invcdf = FALSE, trace = TRUE, n.draws = 5000, p.var = "Inf", p.df = n.dim+1, p.scale = 1, coef.start = 0, cov.start = 1, burnin = 0, thin = 0, verbose = FALSE)<br/> <i>run the multinomial probit model with ordered preferences</i><br/> library(MNP)<br/> data(japan)<br/> res2 = mnp(cbind(LDP, NFP, SKG, JCP) ~ gender + education + age, data = japan, verbose = TRUE)</p> |
| <p><a href="#">ologit</a> Ordered logistic regression<br/> Syntax<br/> <b>ologit</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight] [, options]<br/> <b>webuse</b> fullauto<br/> <b>ologit</b> rep77 foreign length mpg</p>                                   | <p><b>ologit</b>-Option (zelig) for ordinal logit regression model if dependent variable is ordered and categorical<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>z.out = zelig(as.factor(Y) ~ X1 + X2, model = "ologit", data = mydata)</b><br/> library(Zelig)<br/> data(sanction)<br/> sanction\$ncost = factor(sanction\$ncost, ordered = TRUE, levels = c("net gain", "little effect", "modest loss", "major loss"))<br/> z.out = zelig(ncost ~ mil + coop, <b>model = "ologit"</b>, data = sanction)</p>   |
| <p><a href="#">oprobit</a> Ordered probit regression<br/> Syntax<br/> <b>oprobit</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight] [, options]<br/> <b>webuse</b> fullauto<br/> <b>oprobit</b> rep77 foreign length mpg</p>                                  | <p><b>oprobit</b>-Option (zelig): Ordinal probit regression for ordered categorical dependent variables<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>z.out = zelig(as.factor(Y) ~ X1 + X2, model = "oprobit", data = mydata)</b><br/> library(Zelig)<br/> data(sanction)<br/> sanction\$ncost = factor(sanction\$ncost, ordered = TRUE, levels = c("net gain", "little effect", "modest loss", "major loss"))<br/> z.out = zelig(ncost ~ mil + coop, <b>model = "oprobit"</b>, data = sanction)<br/> summary(z.out)</p>   |

|  |   |
|--|---|
| <p><a href="#">poisson</a> Poisson regression (count outcomes)<br/> Syntax<br/> <b>poisson</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight]<br/> [, options]<br/> <b>webuse</b> dollhill3<br/> <b>poisson</b> deaths smokes i.agecat, exposure(pyears)</p>  | <p><b>poisson</b>-Option (zelig) for poisson regression<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>z.out = zelig(Y ~ X1 + X2, model = "poisson", data = mydata)</b><br/> library(Zelig)<br/> data(sanction)<br/> z.out1 = zelig(num ~ target + coop,<br/> model = "poisson", data = sanction)<br/> summary(z.out1)</p>  |
| <p><a href="#">probit</a> Probit regression for binary outcomes<br/> Syntax<br/> <b>probit</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight]<br/> [, options]<br/> <b>sysuse</b> auto<br/> <b>probit</b> foreign weight mpg</p>  | <p><b>probit</b>-Option (zelig) for probit regression<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>z.out = zelig(Y ~ X1 + X2, model = "probit", data = mydata)</b><br/> library(Zelig)<br/> data(turnout)<br/> z.out2 = zelig(vote ~ race + educate,<br/> <b>model = "probit"</b>, data = turnout)</p>  |
| <p><a href="#">qreg</a> Quantile regression models<br/> Syntax<br/> <b>qreg</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight]<br/> [, qreg_options]<br/> <i>Median regression</i><br/> <b>sysuse</b> auto<br/> <b>qreg</b> price weight length foreign</p>   | <p><b>quantile</b>-Option (zelig) for quantile regression models<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>z.out = zelig(Y ~ X1 + X2, model = "quantile", data = mydata, tau = 0.5)</b><br/> library(Zelig)<br/> data(stackloss)<br/> z.out11 = zelig(stack.loss ~ Air.Flow +<br/> Water.Temp + Acid.Conc., <b>model = "quantile"</b>,<br/> data = stackloss, tau = 0.5)</p>   |
| <p><a href="#">reg3</a> Three-stage estimation for systems of simultaneous equations<br/> Basic syntax<br/> <b>reg3</b> (depvar1 varlist1) (depvar2 varlist2)<br/> ...(depvarN varlistN) [if] [in] [weight]<br/> <b>webuse</b> klein<br/> <b>reg3</b> (consump wagepriv wagegovt) (wagepriv consump govt capital1)</p> | <p><b>threesls</b>-Option (zelig) is a combination of two stage least squares and seemingly unrelated regression<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>fml = list(mu1 = Y1 ~ X1 + Z1,</b><br/> <b>mu2 = Y2 ~ X2 + Z2, inst1 = Z1 ~ W1 + X1,</b><br/> <b>inst2 = Z2 ~ W2 + X2)</b><br/> <b>z.out = zelig(formula = fml, model = "threesls", data = mydata)</b><br/> library(Zelig)<br/> data(kmenta)<br/> formula = list(mu1 = q ~ p + d, mu2 = q ~ p + f +<br/> a, inst = ~d + f + a)<br/> z.out = zelig(formula = formula,<br/> <b>model = "threesls"</b>, data = kmenta)<br/> summary(z.out)</p> |



|  |   |
|--|---|
| <p><a href="#">regress</a> Linear regression<br/> Syntax<br/> <b>regress</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight] [, options]<br/> <i>Suppress intercept term</i><br/> <b>sysuse</b> auto<br/> <b>regress</b> weight length, noconstant</p>   | <p><b>lm</b> Fit linear models<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>lm(formula, data, subset, weights, na.action, method = "qr", model = TRUE, x = FALSE, y = FALSE, qr = TRUE, singular.ok = TRUE, contrasts = NULL, offset, ...)</b><br/> data(swiss)<br/> summary(lm(Fertility ~ ., data = swiss))</p>   |
| <p><a href="#">stem</a> Stem-and-leaf displays<br/> Syntax<br/> <b>stem</b> varname [if] [in] [, options]<br/> <b>webuse</b> stemxmpl<br/> <b>stem</b> x</p>   | <p><b>stem</b> Stem-and-leaf plot of the values in x<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>stem(x, scale = 1, width = 80, atom = 1e-08)</b><br/> stem(islands)</p>   |
| <p><a href="#">swilk</a> Shapiro–Wilk tests for normality<br/> Syntax<br/> <i>Shapiro-Wilk normality test</i><br/> <b>swilk</b> varlist [if] [in] [, options]<br/> <b>sysuse</b> auto<br/> <b>swilk</b> mpg</p>  | <p><b>shapiro.test</b> Perform the Shapiro-Wilk test of normality<br/> Syntax<br/> <b>shapiro.test(x)</b></p>   |
| <p><a href="#">summarize</a> Summary statistics<br/> Syntax<br/> <b>summarize</b> [varlist] [if] [in] [weight] [, options]<br/> <b>sysuse</b> auto<br/> <b>summarize</b><br/> <b>summarize</b> mpg weight if foreign, detail</p>   | <p><b>summary</b> Summary statistics of object<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>summary(object, ..., digits = max(3, getOption("digits"))-3))</b></p>   |
| <p><a href="#">zinb</a> Zero-inflated negative binomial regression<br/> Syntax<br/> <b>zinb</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight], inflate(varlist[, offset( varname)] _cons) [options]<br/> <b>webuse</b> fish<br/> <b>zinb</b> count persons livebait, inflate(child camper)</p> | <p><b>zeroinfl</b> Fit zero-inflated regression models for count data via maximum likelihood<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>zeroinfl(formula, data, subset, na.action, weights, offset, dist = c("poisson", "negbin", "geometric"), link = c("logit", "probit", "cloglog", "cauchit", "log"), control = zeroinfl.control(...), model = TRUE, y = TRUE, x = FALSE, ...)</b><br/> <i>with simple inflation (no regressors for zero component)</i><br/> library(pscI)<br/> data(bioChemists)<br/> fm_zip = zeroinfl(art ~ fem + mar + kid5 + phd + ment   1, data = bioChemists, <b>dist = "negbin"</b>)</p> |
| <p><a href="#">zip</a> Zero-inflated poisson regression<br/> Syntax<br/> <b>zip</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight], inflate(varlist[, offset(varname)] _cons) [options]<br/> <b>webuse</b> fish<br/> <b>zip</b> count persons livebait, inflate(child camper)</p>               |   |

## 2. Panelanalyse

Aufgenommen wurden in diesem Abschnitt die Befehle `xtfrontier`, `xtgls`, `xthtaylor`, `xtivreg`, `xtset`.

Bevor man zur Analyse selbst übergeht, definiert man über:

**xtset** `panelvar timevar [, tsoptions]`

die vorliegenden Daten als Paneldaten, und kann danach Befehle der Form `xtreg`, `xtline`, `xtlogit` anwenden, bestimmte Operatoren werden aktiviert, jeweilige *postestimation commands* zur Verfügung gestellt usw.

Das Package **plm** wurde zum Großteil verwendet, um STATA Implementierungen in R wiederzugeben. **Pdata.frame** oder **plm.data** "formatieren" in R den jeweiligen Datensatz in ein Objekt mit einer ID- und einer Zeitvariable, welches mit entsprechenden Befehlen zur Regressionsschätzung, z.B. **plm**, angegangen werden kann.

Zur Modellschätzung in STATA bieten sich `xtabond`, `xtcloglog`, `xtfrontier`, `xtgee`, `xtgls`, `xthtaylor`, `xtintreg`, `xtivreg`, `xtlogit`, `xtmixed`, `xtnbreg`, `xtprobit`, `xtreg` und weitere an, wobei die **xt**-Vorsilbe auf Panelmodellierung nach Ausführen von **xtset** hinweist. Auch hier sind Übereinstimmungen von STATA und R-Befehlen nicht notwendigerweise über alle Modellunteroptionen gegeben.

Beispielhaft sollen einige Befehle auskommentiert werden.

### **xtreg**

STATA bietet **xtreg** für Modellschätzung mit fixed-, between-effects und anderen Effekten.

Die Syntax für das **RE**(random-effects)-Modell lautet:

**xtreg** `depvar [indepvars] [if] [in] [, re RE_options]`

Mögliche Optionen sind für diesen Fall:

|                              |  |
|------------------------------|--|
| <code>re</code>              | use random-effects estimator; the default                                |
| <code>sa</code>              | use Swamy-Arora estimator of the variance components                     |
| <code>vce(vcetype)</code>    | vcetype may be conventional, robust, jackknife...                        |
| <code>level(#)</code>        | set confidence level; default is level(95)                               |
| <code>theta</code>           | report theta   |
| <code>display options</code> | control spacing and display of omitted variables and base and empty cell |

Nach der (RE-)Modellschätzung könnte man z.B. anwenden:

|           |  |
|-----------|--|
| xttest0   | Breusch and Pagan LM test for random effects   |
| estat     | AIC, BIC, VCE, and estimation sample summary   |
| estimates | cataloging estimation results  |
| hausman   | Hausman's specification test   |
| lincom    | point estimates, standard errors, testing, and inference for linear combinations of coefficients |
| lrtest    | likelihood-ratio test  |
| margins   | marginal means, predictive margins, marginal effects, and average marginal effects               |
| nlcom     | point estimates, SE, testing, and inference for nonlinear combinations of coefficients           |
| predict   | predictions, residuals, influence statistics, and other diagnostic measures                      |
| predictnl | point estimates, SE, testing, and inference for generalized predictions                          |
| test      | Wald tests of simple and composite linear hypotheses   |
| testnl    | Wald tests of nonlinear hypotheses   |

### **xtgls**

Der Befehl **xtgls** schätzt lineare Modelle mit dem FGLS-Schätzer. Die Syntax lautet:

**xtgls** depvar [indepvars] [if] [in] [weight] [, **options**]

*Fit panel-data model with heteroskedasticity across panels*

**webuse** invest2

**xtset** company time

**xtgls** invest market stock, **panels(hetero)**

Hier wird ein Spezialfall geschätzt, dabei ist die Option , **panels(hetero)** die Abkürzung von **panels(heteroskedastic)**. Weitere Optionen zum **xtgls**-Befehl sind weiter unten tabelliert.

Optionen zu **xtgls** sind u.a.:

|                         |  |
|-------------------------|--|
| noconstant              | suppress constant term                                       |
| panels(iid)             | use i.i.d. error structure                                   |
| panels(heteroskedastic) | use heteroskedastic but uncorrelated error structure         |
| panels(correlated)      | use heteroskedastic and correlated error structure           |
| corr(independent)       | use independent autocorrelation structure                    |
| corr(psar1)             | use panel-specific AR(1) autocorrelation structure           |
| rhotype(calc)           | specify method to compute autocorrelation parameter          |
| igls                    | use iterated GLS estimator instead of two-step GLS estimator |
| level(#)                | level(#) set confidence level; default is level(95)          |

Als *postestimation commands* bieten sich an:

|           |   |
|-----------|---|
| estat     | AIC, BIC, VCE, and estimation sample summary  |
| estimates | cataloging estimation results   |
| lincom    | point estimates, standard errors, testing, and inference for linear combinations of coefficients    |
| lrtest    | likelihood-ratio test   |
| margins   | marginal means, predictive margins, marginal effects, and average marginal effects                  |
| nlcom     | point estimates, standard errors, testing, and inference for nonlinear combinations of coefficients |
| predict   | predictions, residuals, influence statistics, and other diagnostic measures                         |
| predictnl | point estimates, standard errors, testing, and inference for generalized predictions                |
| test      | Wald tests of simple and composite linear hypotheses  |
| testnl    | Wald tests of nonlinear hypotheses  |

xtivreg

Mit **xtivreg** kann man in STATA Modelle mit endogenen / instrumentalisierten Variablen schätzen; hier ist die Syntax für ein Modell mit random-effects:

**xtivreg** depvar [varlist\_1] (varlist\_2 = varlist\_iv) [if] [in] [, re **RE\_options**]

Als Modelloptionen bieten sich u.a. an:

|         |   |
|---------|---|
| re      | use random-effects estimator; the default                       |
| ec2sls  | use Baltagi's EC2SLS random-effects estimator                   |
| nosa    | use the Baltagi-Chang estimators of the variance components     |
| regress | treat covariates as exogenous and ignore instrumental variables |

Um Paneldaten in R zu modellieren, lädt man das **plm**-Package.

**pggls** verwendet den FGLS-Schätzer; **plm** kann sowohl die üblichen Effekte, als auch Instrumentenvariablen einbeziehen, und bietet für den RE-Fall 4 Schätzer, u.a. Swamy und Aroras Schätzer. Hausman und Taylors Schätzer kann ebenfalls gefordert werden.

Beispiele für eine FGLS-Schätzung und eine Regression mit **plm** in R werden nachfolgend gegeben.

**pggls-Syntax**

```
pggls(formula, data, subset, na.action, effect = c("individual","time"), model = c("within","random"), index = NULL, ...)
```

```
library(plm)
```

```
data("Produc", package = "plm")
```

```
zz = pggls(log(gsp) ~ log(pcap) + log(pc) + log(emp) + unemp, data = Produc, model = "random")
```

**plm-Syntax**

```
plm(formula, data, subset, na.action, effect = c("individual","time","twoways"), model = c("within","random","ht","between", "pooling","fd"),
```

```
random.method = c("swar","walhus","amemiya","nerlove"), inst.method = c("bvk","baltagi"), index = NULL, ...)
```

***formula** with IV:  $y \sim x_1 + x_2 + x_3 \mid x_3 + z_1 + z_2$ , with  $z$ -variables being external,  $x_1$  and  $x_2$  endogenous*

Beispiel:

```
library(plm)
```

```
data(Grunfeld)
```

```
grun.fe = plm(inv ~ value + capital, data = Grunfeld, model = "within")
```

Verfügbar wären zwecks Modelldiagnose die Testverfahren:

|          |   |
|----------|---|
| pFtest   | a simple test for the presence of individual (or/and time) effects based on the comparison of the pooling and the within models                                     |
| plmtest  | a set of likelihood ratio tests for the presence of individual (or/and time) effects based on the comparison of the random and the pooling model                    |
| phausman | a Hausman-test for the correlation between explanatory variables and individual (or/and time) effects, based on the comparison of the within and the random models. |

Visualisierungsbefehle, Tabellierungstools, Diagnosetestungen, die Handhabung bestimmter Ergebnisse aus den Ausgaben usw. wurden für STATA und R nicht extra erläutert.

Ebenso ausgelassen wurden die Befehle **xtgee**, **xtlogit**, **xtmixed**, **xtprobit**, **xtpoisson**, **xttobit**, welche Logit-, Mixed-effects-, Probitmodelle u.a. für Paneldaten und Variablen schätzen.

Vergleichbare Routinen / Optionen aus den R-Packages **gee** (General Equation Estimation) oder **Zelig**, wie **logit.gee** oder **logit.mixed**, **poisson.gee** oder **poisson.mixed** würde man in folgender Schreibweise verwenden:

```
library(Zelig)
```

```
z.out = zelig(Y ~ X1 + X2, model = "logit.gee", id = "X3", data = mydata)
```

Das Package **lme4** (oder **nlme**) bietet weitere Routinen, um LM oder GLM mit mixed-effects zu schätzen.

Beispiel:

```
library(lme4)
```

```
gm1 = glmer(cbind(incidence, size - incidence) ~ period + (1 | herd), family = binomial, data = cbpp)
```

Es folgt die parallele Auflistung von STATA und R-Befehlen.

|   |   |
|---|---|
| <p><a href="#">xtfrontier</a> Stochastic frontier models for panel data<br/> Syntax<br/> <i>Time-invariant model</i><br/> <b>xtfrontier</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight] ,<br/> <b>ti</b> [ti_options]<br/> <i>Time-invariant model</i><br/> <b>webuse</b> xtfrontier1<br/> <b>xtfrontier</b> lnwidges lnmachines lnworkers, <b>ti</b></p>                         | <p><b>sfa</b> Maximum likelihood estimation of stochastic frontier production and cost functions<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>sfa</b>( formula, data = sys.frame( sys.parent() ),<br/> <b>ineffDecrease</b> = TRUE, <b>truncNorm</b> = FALSE,<br/> <b>timeEffect</b> = FALSE, <b>startVal</b> = NULL,<br/> <b>tol</b> = 0.00001, <b>maxit</b> = 1000, <b>muBound</b> = 2,<br/> <b>bignum</b> = 1.0E+16, <b>searchStep</b> = 0.00001,<br/> <b>searchTol</b> = 0.001, <b>searchScale</b> = NA, <b>gridSize</b><br/> = 0.1, <b>gridDouble</b> = TRUE, <b>printIter</b> = 0 )<br/> library(frontier)<br/> data( riceProdPhil )<br/> riceProdPhil = plm.data( riceProdPhil,<br/> c( "FMERCODE", "YEARDUM" ) )<br/> rice = sfa( log( PROD ) ~ log( AREA ) +<br/> log( LABOR ) + log( NPK ), data = riceProdPhil )</p> |
| <p><a href="#">xtgls</a> Fit panel-data models by using GLS<br/> Syntax<br/> <b>xtgls</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight]<br/> [, options]<br/> <i>Fit panel-data model with heteroskedasticity across panels</i><br/> <b>webuse</b> invest2<br/> <b>xtset</b> company time<br/> <b>xtgls</b> invest market stock, panels(hetero)</p>                                 | <p><b>pggls</b> General (Feasible-)GLS estimators for panel data (balanced or unbalanced)<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>pggls</b>(formula, data, subset, na.action,<br/> <b>effect</b> = c("individual","time"), <b>model</b> =<br/> c("within","random"), <b>index</b> = NULL, ...)<br/> library(plm)<br/> data("Produc", package = "plm")<br/> zz = pggls(log(gsp) ~ log(pcap) + log(pc) +<br/> log(emp) + unemp, data = Produc,<br/> model = "random")<br/> summary(zz)</p>   |
| <p><a href="#">xthtaylor</a> Hausman–Taylor estimator for error components models<br/> Syntax<br/> <b>xthtaylor</b> depvar indepvars [if] [in] [weight] ,<br/> endog(varlist) [options]<br/> <b>webuse</b> psidextract<br/> <b>xthtaylor</b> lwage wks south smsa ms exp exp2<br/> occ ind union fem blk ed, endog(exp exp2 occ ind<br/> union ed) constant(fem blk ed)</p> | <p><b>pht</b> Hausman-Taylor estimator as instrumental variable estimator without external instruments<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>pht</b>(formula, data, subset, na.action,<br/> <b>index</b> = NULL, ...)<br/> library(plm)<br/> data("Wages", package = "plm")<br/> ht = plm(lwage~wks+south+smsa+<br/> married+exp+I(exp^2)+ bluecol+ind+<br/> union+sex+black +ed  <br/> sex+black+bluecol+south+smsa+ind,<br/> data=Wages, <b>model</b>="ht", index=595)<br/> summary(ht)</p>  |

|  |  |
|--|--|
| <p><a href="#">xtivreg</a> Instrumental variables and two-stage least squares for panel-data models</p> <p>Syntax</p> <p><i>Fixed-effects (FE) model</i></p> <p><b>xtivreg</b> depvar [varlist_1] (varlist_2 = varlist_iv) [if] [in] , fe [FE_options]</p> <p><i>Fixed-effects model</i></p> <p><b>webuse</b> nlswork</p> <p><b>xtivreg</b> ln_w age c.age#c.age not_smsa (tenure = union south), fe</p> | <p><b>plm</b> Linear models for panel data estimated using the <b>lm</b> function on transformed data</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- the fixed effects model (<b>within</b>)</li> <li>- the pooling model (<b>pooling</b>)</li> <li>- the first-difference model (<b>fd</b>)</li> <li>- the between model (<b>between</b>)</li> <li>- the error components model (<b>random</b>)</li> </ul> <p>Syntax</p> <p><b>plm(formula, data, subset, na.action, effect = c("individual", "time", "twoways"), model = c("within", "random", "ht", "between", "pooling", "fd"), random.method = c("swar", "walhus", "amemiya", "nerlove"), inst.method = c("bvk", "baltagi"), index = NULL, ...)</b></p> <p><i>formula with IV: <math>y \sim x1 + x2 + x3 \mid x3 + z1 + z2</math>, with z-variables being external instruments, x1 and x2 endogenous</i></p> <pre>library(plm) data(Grunfeld) grun.fe = plm(inv ~ value + capital, data = Grunfeld, model = "within")</pre> |
| <p><a href="#">xtset</a> Declare data to be panel data</p> <p>Syntax</p> <p><i>Declare panel and time variable</i></p> <p><b>xtset</b> panelvar timevar [, tsoptions]</p> <p><b>webuse</b> invest2</p> <p><b>xtset</b> company time</p>  | <p><b>pdata.frame</b> An object of this class is a data.frame with an attribute that describes its time and individual dimensions</p> <p>Syntax</p> <p><b>pdata.frame(x, index = NULL, drop.index = FALSE, row.names = TRUE)</b></p> <p><i>Gasoline contains two variables which are individual and time indexes</i></p> <pre>library(plm) data("Gasoline", package = "plm") Gas = pdata.frame(Gasoline, c("country", "year"), drop = TRUE)</pre>  |



### 3. Multivariate Datenanalyse

In diesem Abschnitt aufgenommen wurden die Befehle `ca`, `candisc`, `canon`, `cluster kmeans`, `cluster singlelinkage`, `cluster medianlinkage` und weitere hierarch. Clusteranalysen, daneben `factor`, `mca`, `mds` und `pca`. Auf jeweilige *postestimation commands*, grafische Optionen oder Datenmanipulationen wurde nicht näher eingegangen. Ausgelassen wurden u.a. die STATA Befehle `hotteling`, `manova`, `procrustes`, `scoreplot`.

Die R-Packages `MASS`, `class`, `SensoMineR`, `ICSNP`, `FactoMineR` u.a. liefern alternative Befehle und Versionen zur multivariaten Datenanalyse, die an dieser Stelle jedoch nur zu einem geringen Teil ausgeschöpft wurden.

Als Argument können einschlägige STATA Befehle Daten, im Sinne von Variablenangaben, oder eine Matrix fordern. Die Variableneingabe wurde stets vorgezogen.

Die Korrespondenzanalyse **ca** wird aufgerufen über die Syntax:

**ca** rowvar colvar [if] [in] [weight] [, options]

Um **camat** auszuführen, muss eine Matrix **matname** eingegeben werden:

**camat** matname [, options]

Hervorgehoben werden einige Datenanalysemethoden.

#### cluster averagelinkage

Die average-linkage-Clusteranalyse hat die Syntax:

**cluster averagelinkage** [varlist] [if] [in] [, cluster\_options ]

Folgende Optionen wären u.a. möglich:

|                   |                                     |
|-------------------|-------------------------------------|
| measure(bspw. L2) | similarity or dissimilarity measure |
| name(bspw.L2slnk) | name of resulting cluster analysis  |

Mit **name** vergibt man einen Namen, und lässt zur Clusteranalyse ein Dendrogramm zeichnen:

**webuse** labtech

**cluster averagelinkage** x1 x2 x3 x4, **name**(L2slnk)

**cluster list** L2clnk

**cluster dendrogram** L2slnk, xlabel(, angle(90) labsizes(\*.75))

In R kann über den Befehl **hclust** gleiches erreicht werden.

```
hc = hclust(dist(USArrests), "ave")
```

```
plot(hc)
```

```
plot(hc, hang = -1)
```

### **factor**

Eine Faktorenanalyse kann man in STATA über die Syntax aufrufen:

**factor** varlist [if] [in] [weight] [, method options ]

Optionen für die Analyse können sein:

|                  |   |
|------------------|---|
| pf               | principal factor; the default   |
| pcf              | principal-component factor  |
| ipf              | iterated principal factor   |
| ml               | maximum-likelihood factor   |
| factors(#)       | maximum number of factors to be retained                                |
| mineigen(#)      | minimum value of eigenvalues to be retained                             |
| citerate(#)      | communality reestimation iterations (ipf only)                          |
| altdivisor       | use trace of correlation matrix as the divisor for reported proportions |
| random           | use random starting values (ml only); seldom used                       |
| seed(seed)       | random-number seed (ml with protect() or random only)                   |
| maximize_options | control the maximization process; seldom used (ml only)                 |

Als *postestimation commands* kommen in Frage:

|                     |   |
|---------------------|---|
| estat anti          | anti-image correlation and covariance matrices                        |
| estat common        | correlation matrix of the common factors                              |
| estat factors       | AIC and BIC model-selection criteria for different numbers of factors |
| estat kmo           | Kaiser-Meyer-Olkin measure of sampling adequacy                       |
| estat residuals     | matrix of correlation residuals                                       |
| estat rotatecompare | compare rotated and unrotated loadings                                |
| estat smc           | squared multiple correlations between each variable and the rest      |
| estat structure     | correlations between variables and common factors                     |
| loadingplot         | plot factor loadings  |
| rotate              | rotate factor loadings  |
| screeplot           | plot eigenvalues  |

Der entsprechende R-Befehl für eine Faktorenanalyse lautet:

**factanal** (x, factors, data = NULL, covmat = NULL, n.obs = NA, subset, na.action,  
start = NULL, scores = c("none", "regression", "Bartlett"), rotation = "varimax", control = NULL,...)

Nachfolgend werden ausgewählte STATA und R-Befehle zur multivariaten Datenanalyse gelistet.

|   |  |
|---|--|
| <p><a href="#">ca</a> Simple correspondence analysis<br/>Syntax<br/><i>Simple correspondence analysis of two categorical variables</i><br/><b>ca</b> rowvar colvar [if] [in] [weight] [, options]<br/><b>webuse</b> ca_smoking<br/><b>ca</b> rank smoking</p> | <p><b>anacor</b> Simple and canonical CA<br/>Syntax<br/><b>anacor</b>(tab, ndim = 2, row.covariates, col.covariates, scaling = c("Benzecri", "Benzecri"), eps = 1e-06)<br/>library(anacor)<br/>data(tocher)<br/>res = anacor(tocher, scaling = c("standard", "centroid"))<br/>res</p>  |
| <p><a href="#">candisc</a> Canonical linear discriminant analysis<br/>Syntax<br/><b>candisc</b> varlist [if] [in] [weight], group(groupvar) [options]<br/><b>webuse</b> rootstock<br/><b>candisc</b> y1 y2 y3 y4, group(rootstock)</p>                        | <p><b>candisc</b> Perform a generalized canonical discriminant analysis for one term in a multivariate linear model<br/>Syntax<br/><b>candisc</b>(mod, term, type = "2", manova, ndim = rank, ...)<br/>library(candisc)<br/>iris.mod = lm(cbind(Petal.Length, Sepal.Length, Petal.Width, Sepal.Width) ~ Species, data=iris)<br/>iris.can = candisc(iris.mod, data=iris)</p>  |
| <p><a href="#">canon</a> Canonical correlations<br/>Syntax<br/><b>canon</b> (varlist1) (varlist2) [if] [in] [weight] [, options]<br/><b>sysuse</b> auto<br/><b>canon</b> (length weight headroom trunk) (displ mpg gear_ratio turn)</p>                       | <p><b>cancor</b> Perform canonical correlations analysis<br/>Syntax<br/><b>cancor</b>(x, y, xcenter = TRUE, ycenter = TRUE)<br/>pop = LifeCycleSavings[, 2:3]<br/>oec = LifeCycleSavings[, -(2:3)]<br/>cancor(pop, oec)</p>  |
| <p><a href="#">cluster kmeans</a> Kmeans cluster analysis<br/>Syntax<br/><b>cluster kmeans</b> [varlist] [if] [in] , k(#) [options ]<br/><i>CA creating 8 groups</i><br/><b>webuse</b> labtech<br/><b>cluster kmeans</b> x1 x2 x3 x4, k(8)</p>                | <p><b>kmeans</b> Perform k-means clustering on a data matrix<br/>Syntax<br/><b>kmeans</b>(x, centers, iter.max = 10, nstart = 1, algorithm = c("Hartigan-Wong", "Lloyd", "Forgy", "MacQueen"))<br/>x = rbind(matrix(rnorm(100, sd = 0.3), ncol = 2), matrix(rnorm(100, mean = 1, sd = 0.3), ncol = 2))<br/>colnames(x) = c("x", "y")<br/>cl = kmeans(x, 2)<br/>plot(x, col = cl\$cluster)<br/>points(cl\$centers, col = 1:2, pch = 8, cex=2)</p> |

|   |  |
|---|--|
| <p><a href="#">cluster linkage</a> Hierarchical cluster analysis (CA)<br/> Syntax<br/> <b>cluster linkage</b> [varlist] [if] [in]<br/> [, cluster_options ]<br/> <i>where linkage stands for</i><br/> <b>singlelinkage</b><br/> <b>averagelinkage</b><br/> <b>completelinkage</b><br/> <b>waveragelinkage</b><br/> <b>medianlinkage</b><br/> <b>centroidlinkage</b><br/> <i>Single linkage CA with cluster trees drawn</i><br/> <b>webuse</b> labtech<br/> <b>cluster singlelinkage</b> x1 x2 x3 x4, name(L2slnk)<br/> <b>cluster dendrogram</b> L2slnk, xlabel(, angle(90)<br/> labsize(*.75))</p> | <p><b>hclust</b> Hierarchical cluster analysis on a set of dissimilarities and methods for analyzing it<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>hclust(d, method = "complete", members=NULL)</b><br/> <i>method = the agglomeration method to be used. This should be (an unambiguous abbreviation of) one of "ward", "single", "complete", "average", "mcquitty", "median" or "centroid".</i><br/> hc = hclust(dist(USArrests), "ave")<br/> plot(hc)<br/> plot(hc, hang = -1)</p>  |
| <p><a href="#">factor</a> Factor analysis<br/> Syntax<br/> <b>factor</b> varlist [if] [in] [weight] [, method options ]<br/> <i>Maximum-likelihood factors, keep 2</i><br/> <b>webuse</b> bg2<br/> <b>factor</b> bg2cost1-bg2cost6, factors(2) ml</p>   | <p><b>factanal</b> Perform maximum-likelihood factor analysis on a covariance matrix or data matrix<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>factanal(x, factors, data = NULL, covmat = NULL, n.obs = NA, subset, na.action, start = NULL, scores = c("none", "regression", "Bartlett"), rotation = "varimax", control = NULL, ...)</b><br/> v1 = c(1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,3,3,3,3,4,5,6)<br/> v2 = c(1,2,1,1,1,1,2,1,2,1,3,4,3,3,3,4,6,5)<br/> v3 = c(3,3,3,3,3,1,1,1,1,1,1,1,1,1,5,4,6)<br/> v4 = c(3,3,4,3,3,1,1,2,1,1,1,2,1,1,5,6,4)<br/> v5 = c(1,1,1,1,1,3,3,3,3,3,1,1,1,1,1,6,4,5)<br/> v6 = c(1,1,1,2,1,3,3,3,4,3,1,1,1,2,1,6,5,4)<br/> m1 = cbind(v1,v2,v3,v4,v5,v6)<br/> cor(m1)<br/> factanal(m1, factors=3)</p> |
| <p><a href="#">mca</a> Multiple and joint correspondence analysis<br/> Syntax<br/> <i>For two or more categorical variables</i><br/> <b>mca</b> varlist [if] [in] [weight][, options]<br/> <i>Analyzing the indicator matrix of the data, extracting three dimensions, compact output</i><br/> <b>webuse</b> issp93a<br/> <b>mca</b> A B C D, method(indicator) dim(3) compact</p>  | <p><b>mjca</b> Computation of multiple and joint correspondence analysis<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>mjca(obj, nd = 2, lambda = "adjusted", supcol = NA, subsetcol = NA, ps = "", maxit = 50, epsilon = 0.0001)</b><br/> <i>Joint correspondence analysis:</i><br/> library(ca)<br/> library(MASS)<br/> data(farms)<br/> mjca(farms, lambda = "JCA")</p>  |

|   |   |
|---|---|
| <p><a href="#">mds</a> Multidimensional scaling for two-way data<br/> Syntax<br/> <b>mds</b> varlist [if] [in] , id(varname) [ options ]<br/> <b>sysuse</b> auto<br/> <b>mds</b> price-gear, id(make)</p>   | <p><b>cmdscale</b> Classical multidimensional scaling of a data matrix, also known as principal coordinates analysis<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>cmdscale(d, k = 2, eig = FALSE, add = FALSE, x.ret = FALSE)</b><br/> cmdscale(eurodist, k=20, add = TRUE, eig = TRUE, x.ret = TRUE)</p> |
| <p><a href="#">pca</a> Principal component analysis (of data)<br/> Syntax<br/> <b>pca</b> varlist [if] [in] [weight] [, options]<br/> <i>Assuming multivariate normality of data</i><br/> <b>webuse</b> bg2<br/> <b>pca</b> bg2cost*, vce(normal)</p> | <p><b>prcomp</b> Perform a principal components analysis on the given data matrix<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>prcomp(formula, data = NULL, subset, na.action, ...)</b><br/> prcomp(~ Murder + Assault + Rape, data = USArrests, scale = TRUE)<br/> plot(prcomp(USArrests))</p>           |

#### 4. Surveyanalyse

Aufgenommen wurden separat der STATA Befehl **svyset**, welcher das Surveydesign am vorliegenden Datensatz definiert, sowie listenweise Befehle zur Modellschätzung in der Schreibart **svy: command**, z.B. **svy: regress** oder **svy: poisson**.

In R wurde parallel das Package **survey** referiert.

Wie üblich wurden *postestimation commands*, etwaige Graphikoptionen oder Testverfahren ausgelassen.

Einige Beispiele sollen in diesen Abschnitt einleiten.

##### svyset

**svyset** bestimmt das Surveydesign, setzt ID-Variablen (primary sampling units), den Varianzschätzer, aktiviert Befehle der Form **svy: logit** etc.

Single-stage syntax

**svyset** [psu] [weight] [, design\_options options]

*One-stage clustered design with stratification*

**webuse** stage5a

**svyset** su1 [pweight=pw], strata(strata)

Syntaxoptionen wären:

|                         |   |
|-------------------------|---|
| strata(varname)         | variable identifying strata   |
| fpc(varname)            | finite population correction  |
| brrweight(varlist)      | balanced repeated replicate (BRR) weights   |
| fay(#)                  | Fay's adjustment  |
| jkrweight(varlist, ...) | jackknife replicate weights   |
| vce(linearized)         | Taylor linearized variance estimation   |
| vce(brr)                | balanced repeated replication (BRR) variance estimation                                   |
| vce(jackknife)          | jackknife variance estimation   |
| mse                     | use the MSE formula with vce(brr) or vce(jackknife)                                       |
| singleunit(method)      | strata with a single sampling unit; method may be missing, certainty, scaled, or centered |
| poststrata(varname)     | variable identifying poststrata   |
| postweight(varname)     | poststratum population sizes  |

Das R-Package **survey** bietet den entsprechenden Befehl **svydesign**:

```
svydesign(ids, probs=NULL, strata = NULL, variables = NULL, fpc=NULL, data = NULL,
nest = FALSE, check.strata = !nest, weights=NULL, pps=FALSE, variance=c("HT","YG"),...)
```

Die jeweilige Herangehensweise könnte wie folgt aussehen:

```
library(survey)
```

```
data(api)
```

```
stratified sample
```

```
dstrat=svydesign(id=~1,strata=~stype, weights=~pw, data=apistrat, fpc=~fpc)
```

```
one-stage cluster sample
```

```
dclus1=svydesign(id=~dnum, weights=~pw, data=apiclus1, fpc=~fpc)
```

### **svy: regress**

Modellschätzungen mit dem STATA Befehl **svy: regress** bzw. **regress** würden über die Syntax von **svy: regress** bzw. **regress** angegangen werden:

```
svy [vcetype] [, svy_options eform_option] : regress
```

```
webuse nhanes2f
```

```
svyset psuid [pweight=finalwgt], strata(stratid)
```

```
svy: regress zinc age c.age#c.age weight female black orace rural
```

Die üblichen *postestimation commands* bieten sich an:

|             |  |
|-------------|--|
| estat (svy) | postestimation statistics for survey data  |
| estimates   | cataloging estimation results  |
| lincom      | point estimates, standard errors, testing, and inference for linear combinations of coefficients |
| margins     | marginal means, predictive margins, marginal effects, and average marginal effects               |
| nlcom       | point estimates, SE, testing, and inference for nonlinear combinations of coefficients           |
| predict     | predictions, residuals, influence statistics, and other diagnostic measures                      |
| predictnl   | point estimates, standard errors, testing, and inference for generalized predictions             |
| suest       | seemingly unrelated estimation   |
| test        | Wald tests of simple and composite linear hypotheses   |
| testnl      | Wald tests of nonlinear hypotheses   |

Ein Beispiel für eine Regressionsschätzung in R mit dem Befehl **svyglm** (welcher auf glm aufbaut):

Syntax

**svyglm(formula, design, subset=NULL, ...)**

library(survey)

data(api)

dstratq=**svydesign**(id=~1,strata=~stype, weights=~pw, data=apistrat, fpc=~fpc)

summary(**svyglm**(api00~ell+meals+mobility, design=dstratq))

Es folgt die tabellarische Auflistung von einzelnen Befehlen / Befehlsstrukturen.

|  |  |
|--|--|
| <p><a href="#">svyset</a> Declare survey design for dataset, Single-stage syntax<br/> <b>svyset</b> [psu] [weight] [, design_options options]<br/> <i>One-stage clustered design with stratification</i><br/> <b>webuse</b> stage5a<br/> <b>svyset</b> su1 [pweight=pw], strata(strata)</p>  | <p><b>svydesign</b> Specify a complex survey design<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>svydesign</b>(ids, probs=NULL, strata = NULL, variables = NULL, fpc=NULL, data = NULL, nest = FALSE, check.strata = !nest, weights=NULL, pps=FALSE, variance=c("HT","YG"),...)<br/> <i>one-stage cluster sample</i><br/> library(survey)<br/> data(api)<br/> dclus1=svydesign(id=~dnum, weights=~pw, data=apiclus1, fpc=~fpc)</p>   |
| <p><a href="#">svy : command</a> Prefix and command for statistical models for complex survey data.<br/> Syntax<br/> <b>svy</b> [vcetype] [, svy_options eform_option] : <b>command</b><br/> <i>Jackknife variance estimation</i><br/> <b>webuse</b> nhanes2<br/> <b>svy</b> jackknife slope = _b[height]<br/> constant=_b[_cons]: <b>regress</b> weight height</p>                      | <p><b>svymean</b> Compute means for data from surveys<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>svymean</b>(x, design, na.rm=FALSE, deff=FALSE,...)<br/> <i>one-stage cluster sample</i><br/> library(survey)<br/> data(api)<br/> dclus1=svydesign(id=~dnum, weights=~pw, data=apiclus1, fpc=~fpc)<br/> svymean(~interaction(stype, comp.imp), dclus1)<br/> svyquantile(~api00, dclus1, c(.25,.5,.75))<br/> svytotal(~enroll, dclus1, deff=TRUE)<br/> svyratio(~api.stu, ~enroll, dclus1)</p> |
| <p><b>Commands</b></p> <p>Descriptive statistics<br/> <b>mean</b> Estimate means<br/> <b>proportion</b> Estimate proportions<br/> <b>ratio</b> Estimate ratios<br/> <b>total</b> Estimate totals</p>   |  |
| <p>Linear regression models<br/> <b>cnsreg</b> Constrained linear regression<br/> <b>glm</b> Generalized linear models<br/> <b>intreg</b> Interval regression<br/> <b>nl</b> Nonlinear least-squares estimation<br/> <b>regress</b> Linear regression<br/> <b>tobit</b> Tobit regression<br/> <b>treatreg</b> Treatment-effects regression<br/> <b>truncreg</b> Truncated regression</p> | <p><b>svyglm</b> Fit a generalised linear model to data from a complex survey design, with inverse-probability weighting and design-based standard errors<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>svyglm</b>(formula, design, subset=NULL, ...)<br/> library(survey)<br/> data(api)<br/> dstratq=svydesign(id=~1, strata=~stype, weights=~pw, data=apistrat, fpc=~fpc)<br/> summary(svyglm(api00~ell+meals+mobility, design=dstratq))</p>   |



|   |   |
|---|---|
| <p>Survival-data regression models</p> <p><b>stcox</b> Cox proportional hazards model</p> <p><b>streg</b> Parametric survival models</p>  | <p><b>svycoxph</b> Fit a proportional hazards model to data from a complex survey design</p> <p><b>Syntax</b></p> <p><b>library(survey)</b></p> <p><b>svycoxph(formula, design, subset=NULL, ...)</b></p>   |
| <p>Binary-response regression models</p> <p><b>biprobit</b> Bivariate probit regression</p> <p><b>cloglog</b> Complementary log-log regression</p> <p><b>hetprobit</b> Heteroskedastic probit regression</p> <p><b>logistic</b> Logistic regression, reporting odds ratios</p> <p><b>logit</b> Logistic regression, reporting coefficients</p> <p><b>probit</b> Probit regression</p> <p><b>scobit</b> Skewed logistic regression</p> | <p><b>svyolr</b> Fit cumulative link models: proportional odds, probit, complementary log-log, and cauchit</p> <p><b>Syntax</b></p> <p><b>svyolr(formula, design, start, ..., na.action = na.omit, method = c("logistic", "probit", "cloglog", "cauchit"))</b></p> <p><b>library(survey)</b></p> <p><b>data(api)</b></p> <p><b>dclus1=svydesign(id=~dnum, weights=~pw, data=apiclus1, fpc=~fpc)</b></p> <p><b>dclus1=update(dclus1, mealcat=cut(meals, c(0,25,50,75,100)))</b></p> <p><b>svyolr(mealcat~avg.ed+mobility+stype, design=dclus1)</b></p> |
| <p>Discrete-response regression models</p> <p><b>clogit</b> Conditional (fixed-effects) logistic regression</p> <p><b>mlogit</b> Multinomial (polytomous) logistic regression</p> <p><b>mprobit</b> Multinomial probit regression</p> <p><b>ologit</b> Ordered logistic regression</p> <p><b>oprobit</b> Ordered probit regression</p> <p><b>slogit</b> Stereotype logistic regression</p>  |   |
| <p>Poisson regression models</p> <p><b>gnbreg</b> Generalized negative binomial regression</p> <p><b>nbreg</b> Negative binomial regression</p> <p><b>poisson</b> Poisson regression</p> <p><b>zinb</b> Zero-inflated negative binomial regression</p> <p><b>zip</b> Zero-inflated Poisson regression</p> <p><b>ztnb</b> Zero-truncated negative binomial regression</p> <p><b>ztp</b> Zero-truncated Poisson regression</p>          | <p><b>poisson.survey</b>-Option (zelig): Survey-weighted poisson regression</p> <p><b>Syntax</b></p> <p><b>z.out = zelig(Y ~ X1 + X2, model = "poisson.survey", data = mydata)</b></p> <p><b>library(Zelig)</b></p> <p><b>library(survey)</b></p> <p><b>data(api)</b></p> <p><b>z.out1 = zelig(enroll ~ api99 + yr.rnd, model = "poisson.survey", weights = ~pw, data = apistrat)</b></p>   |
| <p>Instrumental-variables regression models</p> <p><b>ivprobit</b> Probit model with endogenous regressors</p> <p><b>ivregress</b> Single-equation instrumental-variables regression</p> <p><b>ivtobit</b> Tobit model with endogenous regressors</p>   |   |
| <p>Regression models with selection</p> <p><b>heckman</b> Heckman selection model</p> <p><b>heckprob</b> Probit model with sample selection</p>   |   |

## 5. Verlaufsdatenanalyse

Hier wurden 3 Befehle, `stset`, `stcox` und `streg` stellvertretend für andere, ausgewählt.

Mit **`stset`**, vergleichbar **`xtset`**, werden entsprechende Verlaufsdatencharakteristika (Überlebenszeitvariable, Ausfall (failure), Gewichte etc.) von vornherein für den Datensatz definiert, und nicht erst beim Ausführen einzelner Befehle.

Die Syntaxen sind jeweils:

*Single-record-per-subject survival data*

**`stset`** timevar [if] [weight] [, single\_options]

*Multiple-record-per-subject survival data*

**`stset`** timevar [if] [weight] [, id(idvar) failure(failvar[==numlist]) multiple\_options]

In einem ähnlichen Setup-Kontext stehen die Befehle `ctset`, `cttost`, `sttocc`, `sttoct`, die nicht weiter ausgeführt wurden, genauso wie *postestimation commands* oder Befehle, die Datenmanipulation, Tabellierungen, Visualisierung, Diagnostiken etc. liefern (`stphplot`, `stcurve`, `stgen`, `strate`, `sts graph`, `sts test`).

Auf **`stcox`** und **`streg`** wird näher eingegangen. Cox-Regressionen schätzt man mit:

**`stcox`** [varlist] [if] [in] [, options]

Optionen (, options) zur Modellspezifikation, zur robusten Schätzung etc. können sein:

|                               |  |
|-------------------------------|--|
| <code>estimate</code>         | fit model without covariates                                 |
| <code>strata(varnames)</code> | strata ID variables  |
| <code>shared(varname)</code>  | shared-frailty ID variable                                   |
| <code>offset(varname)</code>  | include varname in model with coefficient constrained to 1   |
| <code>breslow</code>          | use Breslow method to handle tied failures; the default      |
| <code>efron</code>            | use Efron method to handle tied failures                     |
| <code>exactm</code>           | use exact marginal-likelihood method to handle tied failures |
| <code>exactp</code>           | use exact partial-likelihood method to handle tied failures  |
| <code>tvb(varlist)</code>     | time-varying covariates                                      |
| <code>texp(exp)</code>        | multiplier for time-varying covariates                       |
| <code>vce(vcetype)</code>     | vcetype may be robust, jackknife...                          |
| <code>noadjust</code>         | do not use standard degree-of-freedom adjustment             |

Als *postestimation commands* sind möglich:

|                   |   |
|-------------------|---|
| estat concordance | Harrell's C   |
| stcurve           | plot the survivor, hazard, and cumulative hazard functions                  |
| predict           | predictions, residuals, influence statistics, and other diagnostic measures |
| predictnl         | point estimates, SE, testing, and inference for generalized predictions     |

Nach Schätzung der Cox-Regression mit **stcox** bietet sich **stcurve** zum Plotten der Survival- oder Hazardfunktion an.

Parametrische Modelle kann man mit **streg** schätzen:

**streg** [varlist] [if] [in] [, options]

Auch hier bieten sich Modellspezifikationen an:

|                           |  |
|---------------------------|--|
| noconstant                | suppress constant term                                     |
| distribution(exponential) | exponential survival distribution                          |
| distribution(gompertz)    | Gompertz survival distribution                             |
| distribution(loglogistic) | loglogistic survival distribution                          |
| distribution(llogistic)   | synonym for distribution(loglogistic)                      |
| distribution(weibull)     | Weibull survival distribution                              |
| distribution(lognormal)   | lognormal survival distribution                            |
| distribution(gamma)       | generalized gamma survival distribution                    |
| frailty(gamma)            | gamma frailty distribution                                 |
| frailty(invgaussian)      | inverse-Gaussian distribution                              |
| time                      | use accelerated failure-time metric                        |
| strata(varname)           | strata ID variable   |
| offset(varname)           | include varname in model with coefficient constrained to 1 |
| shared(varname)           | shared frailty ID variable                                 |
| ancillary(varlist)        | use varlist to model the first ancillary parameter         |
| anc2(varlist)             | use varlist to model the second ancillary parameter        |
| constraints(constraints)  | apply specified linear constraints                         |
| collinear                 | keep collinear variables                                   |

Beispiel:

*Fit a Weibull survival model*

**webuse** kva

**stset** failtime

**streg** load bearings, distribution(weibull)

Stset, stcox und streg können in R mit dem Package **survival** gut nachvollzogen werden.

**Surv** erzeugt ein entsprechendes Survivalobjekt, welches in Regressionen eingehen kann.

Syntax:

**Surv**(time, time2, event, type=c('right', 'left', 'interval', 'counting', 'interval2'), origin=0)

**is.Surv(x)**

Eine Anwendung mit parametrischer Regression (**survreg**) könnte wie folgt aussehen:

**library(survival)**

**survreg(Surv(futime, fustat) ~ ecog.ps + rx, ovarian, dist='weibull', scale=1)**

Für Cox-Regressionen steht **coxph** zur Verfügung. Die Syntax lautet:

**coxph**(formula, data=, weights, subset, na.action, init, control,  
method=c("efron", "breslow", "exact"), singular.ok=TRUE, robust=FALSE, model=FALSE,  
x=FALSE, y=TRUE, ...)

**Plot** und **predict** können ähnlich zu STATA Befehlen angewandt werden.

Der tabellarische Vergleich der 3 besprochenen Befehle folgt weiter unten.

|   |  |
|---|--|
| <p><a href="#">stset</a> Declare data to be survival-time data<br/> Syntax<br/> <i>Single-record-per-subject survival data</i><br/> <b>stset</b> timevar [if] [weight] [, single_options]<br/> <i>Multiple-record-per-subject survival data</i><br/> <b>stset</b> timevar [if] [weight] [, id(idvar)<br/> failure(failvar[==numlist]) multiple_options]<br/> <b>webuse</b> kva<br/> <b>stset</b> failtime</p> | <p><b>Surv</b> Create a survival object, usually used as a response variable in a model formula<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>Surv</b>(time, time2, event, type=c('right', 'left', 'interval', 'counting', 'interval2'), origin=0)<br/> <b>is.Surv(x)</b><br/> library(survival)<br/> with(lung, Surv(time, status))<br/> Surv(heart\$start, heart\$stop, heart\$event)</p>   |
| <p><a href="#">stcox</a> Cox proportional hazards model via MLE<br/> Syntax<br/> <b>stcox</b> [varlist] [if] [in] [, options]<br/> <i>Fit Cox proportional hazards model</i><br/> <b>webuse</b> kva<br/> <b>stset</b> failtime<br/> <b>stcox</b> load bearings</p>  | <p><b>coxph</b> Fit a Cox proportional hazards regression model<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>coxph</b>(formula, data=, weights, subset, na.action, init, control, method=c("efron", "breslow", "exact"), singular.ok=TRUE, robust=FALSE, model=FALSE, x=FALSE, y=TRUE, ...)<br/> <i>Create data set and fit a stratified model</i><br/> library(survival)<br/> test1 = list(time=c(4,3,1,1,2,2,3),<br/> status=c(1,1,1,0,1,1,0),<br/> x=c(0,2,1,1,1,0,0),<br/> sex=c(0,0,0,0,1,1,1))<br/> coxph(Surv(time, status) ~ x + strata(sex), test1)</p> |
| <p><a href="#">streg</a> Parametric survival models<br/> Syntax<br/> <b>streg</b> [varlist] [if] [in] [, options]<br/> <i>Fit a Weibull survival model</i><br/> <b>webuse</b> kva<br/> <b>stset</b> failtime<br/> <b>streg</b> load bearings, distribution(weibull)</p>   | <p><b>survreg</b> Fit a parametric survival regression model<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>survreg</b>(formula, data, weights, subset, na.action, dist="weibull", init=NULL, scale=0, control,parms=NULL,model=FALSE, x=FALSE, y=TRUE, robust=FALSE, score=FALSE, ...)<br/> <i>Fit a weibull model</i><br/> library(survival)<br/> survreg(Surv(futime, fustat) ~ ecog.ps + rx, ovarian, dist='weibull', scale=1)</p>   |

## 6. Zeitreihenanalyse

Aufgenommen wurden die STATA Befehle: **tsset**, **arch**, **arma**, **dfuller**, **pperron**, **var**, **varbasic** und **varsoc**.

**Corrgram**, **cumsp**, **dfgls**, **fcast compute**, **newey**, **pergram**, **prais**, **rolling**, **tsfill**, **tssmooth**, **vargranger**, **varlmar**, **varnorm**, **varstable**, **varwle**, **vec**, **veclmar**, **vecrank**, **wntestb** wurden nicht separat zitiert.

Mit dem Befehl **tsset** wird der vorliegende Datensatz als Zeitreihe definiert, erst danach kann man entsprechende Zeitreihenanalysen durchführen. Eine Verwendung wie **xtset** (für Paneldaten) ist möglich. Die Syntax lautet:

```
tsset timevar [, options]
```

```
tsset panelvar timevar [, options]
```

```
ID panelvar, timevar
```

```
webuse invest2
```

```
tsset company time
```

Mit **pperron** und **dfuller** kann man in STATA Einheitswurzeltests berechnen; **wntestb** bzw. **wntestq** führen Whitenoisetests durch; **tsline** plottet Zeitreihen, während man sich mit **corrgram** u.a. Autokorrelationen und PAC ausgeben lassen kann:

```
corrgram varname [if] [in] [, corrgram_options]
```

In R kann man mit **acf** oder **pacf** Autokorrelationen zeigen, mit **adf.test** und **pp.test** auf Einheitswurzel testen.

Mit **arch** können in STATA zahlreiche ARCH-Modelle geschätzt werden, die Syntax dazu lautet:

```
arch depvar [indepvars] [if] [in] [weight] [, options]
```

Ein ARCH-Modell mit 3 Lags würde man schätzen mit:

```
arch depvar, arch(1/3)
```

Ein GARCH(1,1)-Modell mit Kovariaten:

```
arch illinois indiana kentucky, arch(1) garch(1)
```

Ein EGARCH-Model mit ARMA-Termen:

```
arch D.ln_wpi, ar(1) ma(1 4) earch(1) egarch(1)
```

Als Optionen hat man u.a. zur Auswahl (nur Nennungen):

|                   |  |
|-------------------|--|
| noconstant        | suppress constant term   |
| arch(numlist)     | ARCH terms   |
| garch(numlist)    | GARCH terms  |
| saarch(numlist)   | simple asymmetric ARCH terms                                     |
| tarch(numlist)    | threshold ARCH terms   |
| aarch(numlist)    | asymmetric ARCH terms  |
| narch(numlist)    | nonlinear ARCH terms   |
| narchk(numlist)   | nonlinear ARCH terms with single shift                           |
| abarch(numlist)   | absolute value ARCH terms  |
| atarch(numlist)   | absolute threshold ARCH terms                                    |
| sdgarch(numlist)  | lags of $s_t$  |
| earch(numlist)    | new terms in Nelson's EGARCH model                               |
| egarch(numlist)   | lags of $\ln(s_t^2)$   |
| parch(numlist)    | power ARCH terms   |
| tparch(numlist)   | threshold power ARCH terms                                       |
| aparch(numlist)   | asymmetric power ARCH terms                                      |
| nparch(numlist)   | nonlinear power ARCH terms                                       |
| nparchk(numlist)  | nonlinear power ARCH terms with single shift                     |
| pgarch(numlist)   | power GARCH terms  |
| arima(#p, #d, #q) | specify ARIMA(p,d,q) model for dependent variable                |
| ar(numlist)       | autoregressive terms of the structural model disturbance         |
| ma(numlist)       | moving-average terms of the structural model disturbances        |
| het(varlist)      | include varlist in the specification of the conditional variance |
| savespace         | conserve memory during estimation                                |

ARIMA-Modelle können in STATA geschätzt werden mit:

**arima** depvar [indepvars], ar(numlist) ma(numlist)

Für eine ARIMA(1,1,1)-Modellanpassung schreibt man:

**arima** wpi, arima(1,1,1)

Man passt ein multiplikatives SARIMA-Modell an, und unterdrückt den konstanten Term mit:

**arima** lnair, arima(0,1,1) sarima(0,1,1,12) noconstant

Zur Verfügung stehen u.a. folgende *postestimation commands*:

|           |   |
|-----------|---|
| estat     | AIC, BIC, VCE, and estimation sample summary  |
| estimates | cataloging estimation results   |
| lincom    | point estimates, SE, testing, and inference for linear combinations of coefficients |
| lrtest    | likelihood-ratio test   |
| margins   | marginal means, predictive margins, marginal effects, and average marginal effects  |

Vektorautoregressive Modelle schätzt man mit:

**var** depvarlist [if] [in] [, options]

Modellschätzung mit 1., 2., und 3. Lag und *postestimation*:

**webuse** lutkepohl2

**var** dln\_inv dln\_inc dln\_consump , lags(1/3)

**varnorm**

**varsoc**

Neben klassischen *postestimation commands* bieten sich im Kontext an:

|               |   |
|---------------|---|
| fcast compute | obtain dynamic forecasts                            |
| fcast graph   | graph dynamic forecasts obtained from fcast compute |
| irf           | create and analyze IRFs and FEVDs                   |
| vargranger    | Granger causality tests                             |
| varlmar       | LM test for autocorrelation in residuals            |
| varnorm       | test for normally distributed residuals             |
| varsoc        | lag-order selection criteria                        |
| varstable     | check stability condition of estimates              |
| varwle        | Wald lag-exclusion statistics                       |

Die R-Packages dynlm, vars, tseries, urca, FitAR liefern zahlreiche Befehle zur Zeitreihenanalyse, von der Modellschätzung bis hin zur Diagnostik.

In R kann man z.B. **ts** zur Definition von Zeitreihen verwenden, Modellschätzungen über **arma** oder **garch** funktionieren aber auch mit der Eingabe numerischer Vektoren / Variablen; der Befehl hat in dem Sinne nicht die Bedeutung von **tsset** in STATA.



R schätzt ARIMA-Modelle mit dem Befehl:

```
arima(x, order = c(0, 0, 0), seasonal = list(order = c(0, 0, 0), period = NA), xreg = NULL,
include.mean = TRUE, transform.pars = TRUE, fixed = NULL, init = NULL, method = c("CSS-
ML", "ML", "CSS"), n.cond, optim.method = "BFGS", optim.control = list(), kappa = 1e6)
```

Beispiel:

```
arima(USAccDeaths, order = c(0,1,1), seasonal = list(order=c(0,1,1)))
```

Vektorautoregressive Modelle passt man an mit:

```
VAR(y, p = 1, type = c("const", "trend", "both", "none"), season = NULL, exogen = NULL,
lag.max = NULL, ic = c("AIC", "HQ", "SC", "FPE"))
```

Beispiel:

```
library(vars)
```

```
data(Canada)
```

```
VAR(Canada, p = 2, type = "trend")
```

Einschlägige Testverfahren / Plots in R sind unter anderem:

|                                 |   |
|---------------------------------|---|
| <code>adf.test()</code>         | computes the Augmented Dickey-Fuller test (tseries)   |
| <code>Box.test()</code>         | computes the Box-Pierce / Ljung-Box test statistic for examining the null hypothesis of independence in a given time series (stats) |
| <code>bds.test()</code>         | computes and prints the BDS test statistics (tseries)   |
| <code>bptest()</code>           | performs the Breusch-Pagan test for heteroskedasticity of residuals (lmtest)  |
| <code>dwtest()</code>           | performs the Durbin-Watson test for autocorrelation of residuals (lmtest)   |
| <code>jarque.bera.test()</code> | Jarque-Bera test for normality (tseries)  |
| <code>kpss.test()</code>        | computes KPSS test for stationarity (tseries)   |
| <code>shapiro.test()</code>     | Shapiro-Wilk Normality Test (stats)   |

Es folgt die Auflistung der Einzelbefehle in STATA und R.

|  |  |
|--|--|
| <p><a href="#">arch</a> Autoregressive conditional heteroskedasticity (ARCH) family of estimators<br/>Syntax<br/><b>arch</b> depvar [indepvars] [if] [in] [weight] [, options]<br/><i>GARCH(1,1) model with covariates</i><br/><b>webuse</b> urates<br/><b>arch</b> illinois indiana kentucky, arch(1) garch(1)</p>                  | <p><b>garch</b> Fit a GARCH(p, q) time series model to the data by computing the maximum-likelihood estimates of the conditionally normal model<br/>Syntax<br/><b>garch(x, order = c(1, 1), series = NULL, control = garch.control(...), ...)</b><br/>library(tseries)<br/>data(EuStockMarkets)<br/>dax = diff(log(EuStockMarkets))[, "DAX"]<br/>dax.garch = garch(dax)</p>                                      |
| <p><a href="#">arima</a> ARIMA, ARMAX, and other dynamic regression models<br/><i>Basic syntax for an ARIMA(p,d,q) model</i><br/><b>arima</b> depvar, arima(#p,#d,#q)<br/><i>Simple ARIMA model with differencing and autoregressive and moving-average components</i><br/><b>webuse</b> wpi1<br/><b>arima</b> wpi, arima(1,1,1)</p> | <p><b>arima</b> Fit an ARIMA model<br/>Syntax<br/><b>arima(x, order = c(0, 0, 0), seasonal = list(order = c(0, 0, 0), period = NA), xreg = NULL, include.mean = TRUE, transform.pars = TRUE, fixed = NULL, init = NULL, method = c("CSS-ML", "ML", "CSS"), n.cond, optim.method = "BFGS", optim.control = list(), kappa = 1e6)</b><br/>arima(USAccDeaths, order = c(0,1,1), seasonal = list(order=c(0,1,1)))</p> |
| <p><a href="#">dfuller</a> Augmented Dickey–Fuller unit-root test<br/>Syntax<br/><b>dfuller</b> varname [if] [in] [, options]<br/><i>DF, including 3 lagged differences and a trend term</i><br/><b>webuse</b> air2<br/><b>dfuller</b> air, lags(3) trend</p>  | <p><b>adf.test</b> Augmented Dickey-Fuller unit-root test<br/>Syntax<br/><b>adf.test(x, alternative = c("stationary", "explosive"), k = trunc((length(x)-1)^(1/3)))</b><br/>library(tseries)<br/>x = rnorm(1000)<br/>adf.test(x)</p>   |
| <p><a href="#">pperron</a> Phillips–Perron unit-root test<br/>Syntax<br/><b>pperron</b> varname [if] [in] [, options]<br/><i>4 Newey-West lags, including a trend term in the associated regression</i><br/><b>webuse</b> air2<br/><b>pperron</b> air, lags(4) trend</p>   | <p><b>pp.test</b> Compute the Phillips-Perron test for the null hypothesis that x has a unit root<br/>Syntax<br/><b>pp.test(x, alternative = c("stationary", "explosive"), type = c("Z(alpha)", "Z(t_alpha)"), lshort = TRUE)</b><br/>library(tseries)<br/>x = rnorm(1000)<br/>pp.test(x)</p>  |
| <p><a href="#">tsset</a> Declare data to be time-series data<br/>Syntax<br/><b>tsset</b> timevar [, options]<br/><b>tsset</b> panelvar timevar [, options]<br/><i>ID panelvar, timevar</i><br/><b>webuse</b> invest2<br/><b>tsset</b> company time</p>   | <p><b>ts</b> Create time-series objects<br/>Syntax<br/><b>ts(data = NA, start = 1, end = numeric(0), frequency = 1, deltat = 1, ts.eps = getOption("ts.eps"), class = , names = )</b><br/><b>as.ts(x, ...)</b><br/><b>is.ts(x)</b><br/>ts(1:10, frequency = 4, start = c(1959, 2)) # 2nd Quarter of 1959</p>   |

|   |   |
|---|---|
| <p><a href="#">var</a> Vector autoregressive models<br/> Syntax<br/> <b>var</b> depvarlist [if] [in] [, options]<br/> <i>(2 lags default)</i><br/> <b>webuse</b> lutkepohl2<br/> <b>var</b> dln_inv dln_inc dln_consump</p>   | <p><b>VAR</b> Estimation of a VAR by utilising OLS per equation<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>VAR</b>(y, p = 1, type = c("const", "trend", "both", "none"), season = NULL, exogen = NULL, lag.max = NULL, ic = c("AIC", "HQ", "SC", "FPE"))<br/> library(vars)<br/> data(Canada)<br/> VAR(Canada, p = 2, type = "trend")</p>   |
| <p><a href="#">varbasic</a> Fit a simple VAR and graph IRFs or FEVDs<br/> Syntax<br/> <b>varbasic</b> depvarlist [if] [in] [, options]<br/> <i>Fit includes the first, second, and third lags in the model</i><br/> <b>webuse</b> lutkepohl2<br/> <b>varbasic</b> dln_inv dln_inc dln_consump, irf<br/> lags(1/3)</p> | <p><b>irf</b> Compute the impulse response coefficients<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>irf</b>(x, impulse = NULL, response = NULL, n.ahead = 10, ortho = TRUE, cumulative = FALSE, boot = TRUE, ci = 0.95, runs = 100, seed = NULL, ...)<br/> library(vars)<br/> data(Canada)<br/> var.2c = VAR(Canada, p = 2, type = "const")<br/> irf(var.2c, impulse = "e", response = c("prod", "rw", "U"), boot = FALSE)</p> |
| <p><a href="#">varsoc</a> Obtain lag-order selection statistics (FPE, AIC etc) for VARs and VECMs<br/> <i>Preestimation syntax</i><br/> <b>varsoc</b> depvarlist [if] [in] [, preestimation_options]<br/> <b>webuse</b> lutkepohl2<br/> <b>varsoc</b> dln_inv dln_inc dln_consump</p>                                 | <p><b>VARselect</b> Information criteria and final prediction error for sequential increasing the lag order up to a VAR(p)-process<br/> <b>Syntax</b><br/> <b>VARselect</b>(y, lag.max = 10, type = c("const", "trend", "both", "none"), season = NULL, exogen = NULL)<br/> library(vars)<br/> data(Canada)<br/> VARselect(Canada, lag.max = 5, type="const")</p>   |